

· 实验室研究 ·

质粒介导的喹诺酮耐药基因 *qnr* 分子流行病学研究

李从荣 吕霞 罗少锋 黄俊

【摘要】 目的 了解武汉大学人民医院分离的革兰阴性杆菌中 *qnr* 基因及其所携带的广谱β-内酰胺酶(ESBLs)基因的流行情况。**方法** 采用聚合酶链反应(PCR)方法对 129 株大肠埃希菌、29 株肺炎克雷伯菌和 10 株阴沟肠杆菌进行 *qnr* 基因检测。对 *qnr* 阳性株,检测 I 类整合酶基因及 SHV-1、TEM-1、CTX-M、OXA-I、OXA-II、OXA-III、DHA、EBC 型 ESBLs 基因。KB 纸片法检测对 16 种抗菌药物的体外抗菌活性,美国临床实验标准委员会表型筛选和确证试验检测产 ESBLs 株。质粒接合试验分析 *qnr* 基因的水平转移能力,ERIC-PCR 进行 DNA 同源性分析。**结果** 6 株菌株检出 *qnr* 基因(5 株大肠埃希菌和 1 株阴沟肠杆菌),肺炎克雷伯菌中未检出;6 株菌仅对亚胺培南全部敏感且对多种抗生素耐药,I 类整合酶基因扩增全为阳性,其中有 2 株大肠埃希菌对环丙沙星敏感,4 株菌携带 TEM-1 型 ESBLs 基因、1 株菌携带 OXA-III 型 ESBLs 基因、2 株菌携带 EBC 型 AmpC 酶;每株菌至少携带 2 种以上 ESBLs 基因。*qnr* 基因介导的喹诺酮类耐药具有水平转移性,DNA 同源性分析有 2 株指纹图谱一致。**结论** 武汉地区存在 *qnr* 基因的流行,*qnr* 阳性株多重耐药严重,且携带多种 ESBLs 基因。

【关键词】 *qnr* 基因;β-内酰胺酶基因;大肠埃希菌;阴沟肠杆菌;喹诺酮类;耐药

Characterization of *qnr* gene for plasmid-mediated quinolone resistance Li Cong-rong, LV Xia, LUO Shao-feng, HUANG Jun. Department of Clinical Laboratory, Renmin Hospital, Wuhan University, Wuhan 430060, China

【Abstract】 Objective To explore the distribution of *qnr* gene and broad spectrum β-lactamase (ESBLs) gene in gram-negative bacteria which were isolated from our hospital patients. **Methods** *qnr* gene in nonrepetitive 129 isolates of *Escherichia coli*, 10 isolates of *Enterobacter cloacac* and 29 isolates of *K. pneumoniae* were detected by polymerase chain reaction(PCR). For *qnr* gene positive strains, int I, SHV-1, TEM-1, CTX-M, OXA-I, OXA-II, OXA-III, DHA and EBC genes were examined. Plasmid conjugatable test was applied to examine whether *qnr* gene was located in conjugate plasmid and ERIC-PCR was carried out for DNA homologous analysis. ESBLs detection (according to phenotypic confirmatory test based on National Committee for Clinical Laboratory Standards criteria) and susceptibility test to 16 antibiotics were also performed. **Results** *qnr* gene was found in 6 clinical isolates including 5 strain of *E. coli* and one strain of *E. cloacac*, but *qnr* gene was undetectable in *K. pneumoniae* isolates. The 6 clinical isolates were susceptible to imipenem but resistance to some other drugs while only 2 isolates of *E. coli* were susceptible to quinolone. Among the 6 *qnr* gene-positive strains, all of them belonged to I type integron-positive isolates, 4 isolates of them were TEM-1 producing strains, with only one isolate was OXA-III gene producing strain, and 2 isolates of them were EBC producing strains. Most of them were with 2 ESBLs gene if not more. *qnr* gene was on transferable plasmids which could be disseminated by clone. **Conclusion** In Wuhan city, the prevalence of *qnr* was confirmed. *qnr* gene were found with some ESBLs gene in the same strains, and *qnr* gene in suspect strains. The transmission of *qnr* gene producing strains could be mediated by transferable plasmids or clone, forcing us to make intensive investigation and take effective control measures.

【Key words】 *qnr* gene; Broad spectrum β-lactamase gene; *Escherichia coli*; *Enterobacter cloacac*; Quinolone; Resistance

以前的研究认为细菌对喹诺酮类的耐药机制主要由染色体介导,无水平传播能力。但最近 Martinez-Martinez 等^[1]发现的质粒介导的喹诺酮类

耐药机制,为细菌耐药的分子机制研究开辟了一条新途径,该质粒介导的耐药基因被命名为 *qnr*,位于 I 类整合子上,其编码蛋白 Qnr 与 II 型拓扑异构酶特异性结合,减少了喹诺酮类药物的作用靶点,导致

细菌耐药。qnr 基因阳性株往往同时携带多个耐药基因如β-内酰胺类、氨基糖苷类、磺胺类等;再加上质粒、整合子、转座子这些可移动元件的存在,增大了细菌耐药水平传播和多重耐药的机会。本研究为了解武汉地区 qnr 基因的携带情况,并对其β-内酰胺类耐药基因进行了检测。

材料与方法

1. 菌株:收集武汉大学人民医院 2005 年 6 月至 2006 年 2 月分离的革兰阴性杆菌 168 株,其中包括大肠埃希菌 129 株、肺炎克雷伯菌 29 株和阴沟肠杆菌 10 株(排除同一病例同一部位重复分离的菌株)。菌株鉴定采用 VITEK32 全自动细菌鉴定系统(BioMerieux, 法国), -70℃ 保存。

2. 试剂和仪器:MH 琼脂购自英国 OXOID 公司, VITEK32 仪器和鉴定卡均购自法国 Bio-Merieux 公司。药敏纸片:阿米卡星、氨基苄西林、庆大霉素、亚胺培南、氨曲南、环丙沙星、左旋氧氟沙星、复方新诺明、头孢唑林、头孢呋辛、头孢噻肟、头孢他啶、头孢曲松、头孢西丁、头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦均由北京天坛药物生物技术开发公司提供。

3. 药敏实验及产超广谱β-内酰胺酶(ESBLs)菌株检测:所有分离株均由该医院检验科微生物室从临床送检标本中分离,并经 VITEK32 型全自动细菌鉴定药敏分析系统鉴定到种。KB 纸片药敏试验方法及 ESBLs 确证试验均按美国临床实验标准委员会(NCCLS)推荐的标准操作判读结果^[2]。阳性质控菌株采用肺炎克雷伯菌 ATCC700603, 阴性质控菌株采用大肠埃希菌 ATCC25922。

4. qnr 阳性株最小抑菌浓度(MIC)值的测定:参考 NCCLS2003 年标准,采用琼脂平皿 2 倍稀释法检测 qnr 阳性株对环丙沙星的 MIC 值,质控株采用大肠埃希菌 ATCC25922。

5. qnr 基因的扩增与测序:煮沸法提取细菌基因组 DNA。参照文献[3]设计引物, P1: 5'-TCA GCA AGA GGA TTT CTC A-3', P2: 5'-GGC AGC ACT ATT ACT CCC A-3', 扩增片段长度为 627 bp。PCR 反应体系包括: 0.2 mmol/L MgCl₂, 0.2 mmol/L dNTP, 0.32 pmol/μl 上、下游引物, 1.5 U Taq DNA 聚合酶, 10 ng DNA 模板, 双蒸水补足至 25 μl。PCR 循环条件为 95℃ 变性 45 s, 48℃ 退火 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 共 30 个循环。PCR 产物用含 0.5 μg/ml 溴化乙锭的 1.0% 琼脂糖凝胶电泳。

部分 PCR 产物委托上海生工生物工程技术有限公司进行 DNA 序列分析。

6. I 类整合酶基因及 ESBLs 基因的 PCR 扩增程序及引物序列情况见表 1。

表1 PCR 扩增引物一览表

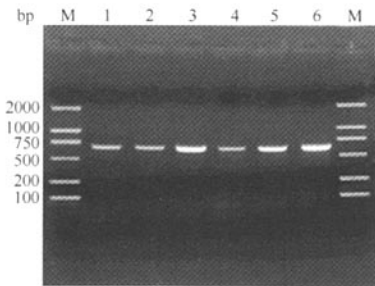
引物名称	引物序列(5'~3')	退火温度(℃)	循环次数	片段长度(bp)
SHV-1	TCG GCC TTC ACT CAA GGA TG TCC CGC AGA TAA ATC ACC A	64	32	812
TEM-1	TCG GGG AAA TGT GCG TGC TTA ATC AGT GAG GCA CC	64	32	972
CTX-M	TTT GCG ATG TGC AGT ACC AGT AA CGA TAT CGT TGG TGG TGC CAT A	56	32	544
OXA-I	TCA ACA AAT CGC CAG AGA AG TCC CAC ACC AGA AAA ACC AG	55	35	276
OXA-II	AAG AAA CGC TAC TCG CCT GC CCA CTC AAC CCA TCC TAC CC	57	35	478
OXA-III	TTT TCT GTT GTT TGG GTT TT TTT CTT GGC TTT TAT GCT TG	52	35	427
DHA	TGG CCA GAA CTG ACA GGC AAA TTT CTC CTG AAC GTG GCT GGC	55	35	405
EBC	AAC AGC CTC AGC AGC CGG TTA TTC GCC GCA ATC ATC CCT AGC	55	35	302
int 1	GAC GAT GCG TGG AGA CC CTT CGT GCT TGG ATG CC	54	30	297

7. qnr 阳性株的质粒接合转移实验:挑取单个菌落接种于 LB 营养肉汤,培养 qnr 阳性株(供体菌)和 E. coli C600 链霉素耐药 Lac⁻(受体菌)至对数生长期,取供体菌和受体菌各 0.5 ml,加入 4 ml 新鲜的 LB 肉汤中,35℃ 培养 16-24 h。取 10 μl 菌液接种于含 2000 mg/L 链霉素和 0.06 μg/ml 的环丙沙星药物平板上筛选接合子。

8. qnr 阳性株 DNA 同源性分析:采用 ERIC-PCR 对本院分离的 5 株 qnr 基因阳性的大肠埃希菌 DNA 同源性进行分析。ERIC 引物 5'-AAG TAA GTG ACT GGG GTG AGC G-3' 由上海生工生物工程有限公司合成。PCR 反应体系为: 0.2 mmol/L MgCl₂, 0.2 mmol/L dNTP, 0.32 pmol/μl 上、下游引物, 1.5 U Taq DNA 聚合酶, 10 ng DNA 模板, 双蒸水补足至 25 μl。PCR 条件为: 94℃ 预变性 5 min; 前 5 个循环为 94℃ 变性 1 min, 26℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 2 min; 后 40 个循环为 94℃ 变性 30 s, 40℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 1 min; 最后 72℃ 延伸 10 min。扩增产物于 2% 琼脂糖(含 0.5 μg/ml 溴化乙锭)中电泳。紫外分析仪下观察结果并用凝胶成像系统拍照。采用 Phylip 3.5c 软件对所构建的电泳条带图谱同源性进行分析。

结 果

1. *qnr* 基因的检测及测序:6 株菌中检出 *qnr* 基因,结果见图 1。其中大肠埃希菌 5 株(*qnr* 阳性检出率为 3.8%),阴沟肠杆菌 1 株(*qnr* 阳性检出率为 10%),肺炎克雷伯菌中未检出。随机选取 1 株,基因测序结果经 GenBank 网上同源性比较,其核苷酸序列与注册号为 AY070235 的 *qnr* 基因序列相同,839 位氨基酸由 A 突变为 G,但编码同一种氨基酸,为无意义突变。



注:M:DNA Marker; 1~3、5、6:大肠埃希菌; 4:阴沟肠杆菌

图1 *qnr* 基因阳性株电泳图谱

2. *qnr* 阳性株药敏结果及对环丙沙星的 MIC 值:6 株 *qnr* 阳性株对环丙沙星的 MIC 值分别为:*E. coli* 1, 16 mg/L; *E. coli* 2, 16 mg/L; *E. coli* 3, 64 mg/L; *E. cloacac* 4, 8 mg/L; *E. coli* 5, 1 mg/L; *E. coli* 6, 0.25 mg/L。其中 *E. coli* 1、2、3、6 为 ESBLs 阳性株;*E. coli* 5、6 对环丙沙星敏感;所有菌株仅对亚胺培南敏感、对多种抗生素耐药(表 2)。

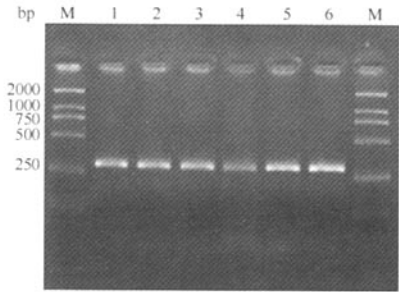
表2 6 株 *qnr* 阳性菌株药敏试验结果

抗生素	<i>E.coli</i> 1	<i>E.coli</i> 2	<i>E.coli</i> 3	<i>E.cloacac</i> 4	<i>E.coli</i> 5	<i>E.coli</i> 6
阿米卡星	S	S	R	S	S	S
氨基西林	R	R	R	R	R	R
氨曲南	R	R	R	R	R	R
头孢唑林	R	R	R	R	R	R
头孢他啶	R	R	R	R	S	R
头孢曲松	R	R	R	R	R	R
环丙沙星	R	R	R	R	S	S
庆大霉素	R	R	R	R	S	R
亚胺培南	S	S	S	S	S	S
复方新诺明	R	R	R	R	S	R
头孢噻肟	R	R	R	R	R	R
头孢呋辛	R	R	R	R	R	R
头孢吡肟	R	R	R	R	R	R
左旋氧氟沙星	R	R	R	R	S	S
头孢哌酮/舒巴坦	R	S	R	R	R	R
头孢西丁	R	R	R	R	R	S

注:R:耐药;S:敏感;中介归于耐药

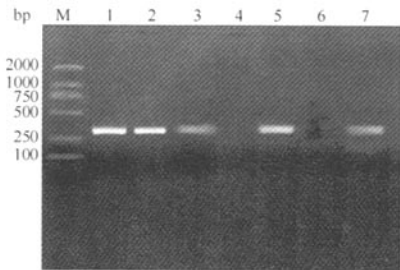
3. I 类整合酶基因及 ESBLs 基因的检测:6 株 *qnr* 阳性株中 I 类整合酶基因全为阳性,见图 2;其中 *E. coli* 1、2、3、5 菌株 TEM-1 基因检测阳性,见图

3;*E. coli* 3 菌株 OXA-III 组基因检测阳性,见图 4; *E. cloacac* 4 和 *E. coli* 5 菌株 EBC 基因检测阳性,见图 5。其余 β -内酰胺酶基因未检出。



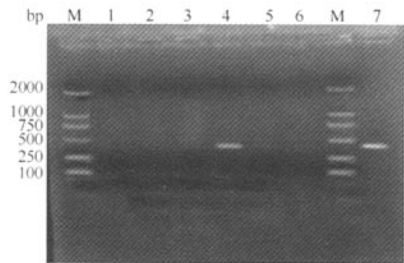
注:M:DNA Marker; 1~3、5、6:大肠埃希菌; 4:阴沟肠杆菌

图2 I 类整合酶 PCR 扩增电泳图谱



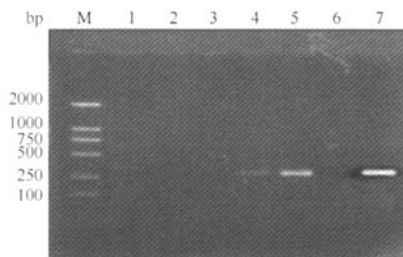
注:M:DNA Marker; 1~3、5、6:大肠埃希菌; 4:阴沟肠杆菌; 7:阳性对照株

图3 TEM 基因 PCR 扩增电泳图谱



注:同图 3

图4 OXA-III 型基因 PCR 扩增电泳图谱

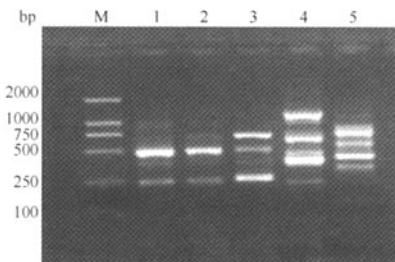


注:同图 3

图5 EBC 型基因 PCR 电泳图谱

4. 质粒接合试验结果: *E. coli* 3 和 *E. coli* 6 质粒转移成功。将接合子种入麦康凯平板, 不发酵乳糖, 表现为受体菌生化特征; 提取接合子 DNA, *qnr* 基因 PCR 扩增阳性。

5. DNA 同源性分析: 对分离的 5 株大肠埃希菌进行染色体 DNA 分型, 菌株均能产生指纹图, 重复实验的分型结果完全一致。该 5 株菌分属 4 种基因型, 其中 *E. coli* 1 和 *E. coli* 2 指纹图谱一致, 为流行病学同源株(图 6)。



注: M: DNA Marker; 1~5: 大肠埃希菌

图6 ERIC-PCR 电泳图谱

讨 论

质粒介导的喹诺酮耐药基因 *qnr* 被报道证实以来, 世界上仅限于欧美和亚洲少数几个国家的报道。在中国, 喹诺酮类药物在国内用药量居第二位, 仅次于β-内酰胺类抗生素, 耐药率高达60%~70%, 因此质粒介导的喹诺酮耐药机制的出现无疑对此类抗生素的临床应用是一个严峻的挑战。虽然 *qnr* 基因的存在引起的耐药并未达到具有临床意义的喹诺酮耐药水平, 但质粒介导的喹诺酮耐药机制补充了传统的喹诺酮耐药途径, 使细菌耐药形式多样化; 且 *qnr* 与多种耐药基因尤其是 ESBLs 耐药基因并存, 使得临床抗感染治疗显得更加困难, 因此对 *qnr* 基因的流行情况研究显得尤为重要。

目前国内仅上海、合肥、南京、广州等地区对 *qnr* 基因有报道^[3-6], 但各地区流行情况并不相同。本实验在 129 株大肠埃希菌中检测出 5 株携带 *qnr* 基因(占3.8%), 10 株阴沟肠杆菌中检出 1 株含 *qnr* 基因(占10%), 肺炎克雷伯菌中未检出, 这与合肥地区报道的 *qnr* 基因在肺炎克雷伯菌中有较高的流行程度并不相同^[4], 另外 *qnr* 基因在大肠埃希菌的检出率低于上海地区报道的7.7%^[3]。这可能与该地区抗生素使用习惯不同有关。目前国内外对 *qnr* 基因在阴沟肠杆菌中的流行报道尚较少见。在

中国, *qnr* 基因在肠杆菌科细菌中的检出率普遍较国外报道的高, 这可能与中国喹诺酮类抗生素耐药率较高有关, 但 *qnr* 基因介导的仅为低水平耐药, 因此其耐药机制与染色体介导的耐药机制之间存在着怎样的相互作用机制, 值得更深入的研究。

药敏结果显示, 6 株 *qnr* 阳性株仅对亚胺培南全部敏感, 且对多种抗生素耐药。其中 *E. coli* 1、2、3、6 为 ESBLs 阳性株, *E. coli* 5、6 为环丙沙星敏感株, 即 *qnr* 基因可在喹诺酮类敏感株中存在, 因此在选取实验对象时, 如果仅对喹诺酮耐药株进行 *qnr* 基因的筛查, 可能会存在漏检。目前已有研究发现^[7,8], 此类携带 *qnr* 基因的喹诺酮类敏感株在抗生素选择压力下更易诱导为耐药株, 其引起的危害性将会更大。

6 株 *qnr* 阳性株 I 类整合酶检测全为阳性, 证实了整合子的存在; *E. coli* 1、2、3、5 菌株 TEM-1 基因阳性; *E. coli* 3 菌株 OXA-III 组基因阳性; *E. cloacae* 4 和 *E. coli* 5 菌株 EBC 基因阳性, 其他检测基因均为阴性; 另外 6 株 *qnr* 阳性株中均未检测出 CTX-M 型 ESBLs 基因, 但 *E. coli* 1、2、3、6 为 ESBLs 阳性株, 表明这些菌株中存在未被检测出的其他类型的 ESBLs 基因, 因此这 6 株菌可能至少携带 2 种以上 ESBLs 基因。喹诺酮和β-内酰胺类抗生素是目前临床应用最广泛的两类抗生素, 细菌同时存在对这两类抗生素的耐药基因, 使耐药形式更加复杂, 再加上整合子灵活多样的存在方式和传播方式为细菌耐药性、甚至是多重耐药性加速传播提供了便利条件。因此及时检测这两类抗生素的耐药基因对指导临床用药具有很好的指导意义。

接合试验发现 *qnr* 基因介导的喹诺酮耐药具有水平转移性, 但仅 2 株质粒转移成功, 分别为 *E. coli* 3、6; 其中 *E. coli* 6 为喹诺酮类敏感株, 表明介导喹诺酮耐药质粒在耐药表型敏感株中易转移, 因此加强对此类菌株耐药谱的检测显得尤为重要。ERIC-PCR 结果显示, 5 株 *qnr* 阳性的大肠埃希菌中, *E. coli* 1 和 *E. coli* 2 指纹图谱一致, 为流行病学同源株, 提示病房中可能存在同一菌株的克隆传播。临床上应加强消毒隔离措施和耐药性检测, 合理使用抗生素, 以减少此类菌株的出现和流行。

qnr 基因在喹诺酮类抗生素敏感株中的出现及其携带的 ESBLs 基因谱的流行可能远远超出了人们的估计。因此在喹诺酮类抗生素耐药现状比较严重的中国, 应加强 *qnr* 基因的检测, 尤其对 *qnr* 基

因阳性但喹诺酮类抗生素耐药表型敏感菌株的检测,积极探索质粒介导的喹诺酮耐药在细菌耐药进程中所起的作用,从而为有效预防和治疗提供科学的依据和指导。

参 考 文 献

- [1] Martinez-Martinez L, Pascual A, Jacoby GA. Quinolone resistance from a transferable plasmid. *Lancet*, 1998, 351: 797-799.
- [2] National Committee for Clinical Laboratory Standard. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. Fourteenth informational supplement M100-S14. NCCLS, 2004, 24(1): 30-35.
- [3] Wang M, Tran JH, Jacoby GA, et al. Plasmid-mediated quinolone resistance in clinical isolates of *Escherichia coli* from Shanghai,

- China. *Antimicrob Agents Chemother*, 2003, 47: 2242-2248.
 - [4] 李涛,熊自忠,沈继录,等. 大肠埃希菌与克雷伯菌属细菌 *qnr* 基因的检测. *检验医学*, 2005, 20(2): 112-114.
 - [5] 王春新,蔡培泉,黄支密,等. 阴沟肠杆菌喹诺酮类耐药 *qnr* 基因的发现. *中华微生物学和免疫学杂志*, 2006, 26(2): 162.
 - [6] 潘晓娟,唐英春,廖康,等. 质粒介导的克雷伯菌耐喹诺酮类药物机制研究. *中国抗生素杂志*, 2006, 31: 295-297.
 - [7] Robicsek A, Jacoby GA, Hopper DC. The worldwide emergence of plasmid-mediated quinolone resistance. *Lancet*, 2006, 6(10): 629-640.
 - [8] Poirel L, Pitout JD, Calvo L, et al. In vivo selection of fluoroquinolone-resistant *Escherichia coli* isolates expressing plasmid-mediated quinolone resistance and expanded-spectrum beta-lactamase. *Antimicrob Agents Chemother*, 2006, 50: 1525-1527.
- (收稿日期: 2006-11-01)
(本文编辑: 尹廉)

· 疾病控制 ·

河北省蔚县 2005—2006 年人间布鲁氏菌病监测结果分析

韩国毅 梁党生 化佩伦

按不同地域、方位和既往布鲁氏菌病(布病)发病情况,选择蔚县有代表性的代王城、宋家庄镇、下宫村、杨庄克乡为固定监测点,草沟堡乡、西合营、暖泉、北水泉镇为流动监测点。监测对象是 7~60 岁人群中与牲畜及畜产品有接触的兽医、饲养员、接羔员、育羔员和皮毛、乳肉加工人员以及其他重点人群;农民和医务人员为对照人群。按照监测方案进行调查,并采集可疑人群血清标本进行血清学检测。布鲁氏菌试管凝集抗原、阴、阳性对照血清由中国疾病预防控制中心提供,效期内使用。所有资料处理均使用 Excel 软件进行统计分析。抗体水平数据进行对数转换,抗体平均滴度的显著性检验用 *t* 检验。布病感染定义:已确诊的患者,以及血清检验(SAT)阳性(1:100^H及以上),且未接种过布病疫苗者。

监测结果显示,2 年共监测 3160 人,血清标本阳性 56 份,人群感染率为 1.8%;确定患者 42 例,患病率为 1.3%;男性 42 例,女性 14 例,感染率分别为 2.1%(42/1984)和 1.3%(14/1176)。比较 2005 与 2006 年间感染率和患病率,差异均有统计学意义($P < 0.01$)。固定监测四个乡镇间人群感染率和患病率分别比较,宋家庄镇分别与杨庄克乡、代王城镇间比较,差异均有统计学意义($P < 0.01$);下宫村乡分别与杨庄克乡、代王城镇间比较,差异均有统计学意义($P < 0.01$);宋家庄镇与下宫村乡间比较无差异($P > 0.01$)。职业监测结果显示,牧业人员、兽医、畜产品收购加工、屠宰职业人群感染率组间比较均无差异($P > 0.01$);但分别与农业人群相比差异有统计学意义($P < 0.01$)。50 岁年龄组感染人数最多,40 岁组次之,两组间感染率比较差异无统计学意义($P > 0.01$);但两组分别与其他年龄组比较,差异有统计学意义

($P < 0.01$)。张家口市与我国布病疫情最严重的内蒙古自治区、山西省接壤^[1]。2005 年河北省报告新发布病病例 1300 例,张家口市就报告了 870 例,而蔚县为 194 例;2006 年的上述数值为 2461、1692、239 例。监测结果表明,蔚县人间布病疫情活跃,2006 年布病发病率在 2005 年(41.99/10 万)的基础上增加了 23.2%。呈严重的上升趋势。40~50 岁年龄段从事牧业、兽医、畜产品收购加工、屠宰等职业人群感染率明显大于其他人群,因在生产生活中是主要劳动力,与病畜及其产品的接触密切而感染概率大,提示该特征人群仍然是今后防控工作的重点。监测发现,靠近南部山区的宋家庄镇和下宫村乡的人群感染率高于农业相对发达的中北部乡镇。主要原因南部山区借助便利的放牧和养殖条件,却又缺乏对布病的知识,盲目从邻省、区引进不经检疫的病羊。由于农民在饲养、放牧、接羔等牧业生产中缺乏必要的卫生防护措施,接触病畜流产物及其污染物而染病。暴露出盲目引进病畜和接触传染源是近年来山区布病高发的主要因素之一。而畜牧管理部门对对应大量增加的养殖畜群,客观的检疫人员和力度不足,同时淘汰病畜补偿机制跟不上,群众发现病羊自行处理,病畜交换和流动频繁,导致传染源泛滥。因此,建议各级政府及其相关部门应加大宣传力度,特别是重点人群。应组织卫生、畜牧、工商等部门建立长期的协作机制,遵循“预防为主”的方针,依法全面落实“免、检、淘、消”相结合的综合防治措施,加强对牲畜流通环节的检疫,严格控制传染源的输入和输出,从根本上遏制布病疫情的发生和蔓延。

参 考 文 献

- [1] 江森林,崔步云,苏增华,等. 全国布鲁氏菌病防治工作调研报告. *中国地方病防治杂志*, 2006, 21(6): III-VI.
- (收稿日期: 2007-01-11)
(本文编辑: 尹廉)